





ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIERÍA  
INFORMÁTICA  
INGENIERÍA DE LA SALUD

**DETECCIÓN DE GANGLIOS LINFÁTICOS EN  
IMÁGENES DE TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA**  
**DETECTION OF LYMPH NODES IN CT IMAGES**

Realizado por  
**Laura Román Andújar**  
Tutorizado por  
**Enrique Domínguez Merino**  
Departamento  
**Lenguajes y ciencias de la computación**

UNIVERSIDAD DE MÁLAGA  
MÁLAGA, Junio de 2016

Fecha defensa:  
El Secretario del Tribunal



## RESUMEN

La detección y medición de los ganglios linfáticos juega un papel muy importante tanto en el tratamiento como en el diagnóstico del cáncer. Actualmente en las rutinas clínicas este trabajo de evaluación se realiza manualmente corte a corte, asignando a cada uno de los ganglios si presentan o no un cuadro clínico y patológico de extensión de la enfermedad. Este trabajo se basa en la tarea de detectar y obtener las medidas de ganglios linfáticos en imágenes de tomografía computarizada en el mediastino y el abdomen, ya que su agrandamiento juega un papel muy importante, llevando a cabo una segmentación de cada uno de ellos. En primer lugar se detalla la colección de imágenes que se han utilizado en este trabajo y su procesamiento. En segundo lugar se explica detalladamente la obtención de las medidas en los ganglios segmentados. Por último se visualiza los resultados experimentales obtenidos de los volúmenes de los ganglios y se procede a la evaluación de las ventajas y desventajas que presentan cada uno de los métodos de segmentación y ofreciendo una comparativa entre ellos, para así poder elegir el método que ofrece mejores resultados y una segmentación lo más exacta posible.

## PALABRAS CLAVE

Ganglios linfáticos, cáncer, tomografía computarizada, segmentación, volumen.

## ABSTRACT

Detection and measurement of lymph nodes plays a very important role in the treatment and diagnosis of cancer. Nowadays in the clinical routines the work of evaluation is done manually in each of the cuts, assigning each node whether or not to present a clinical and pathological picture of extent of disease. This work is based on the task of detecting and get the measurement of lymph nodes in computer tomographic (CT) in the mediastinum and abdomen, it is in this way because enlargement plays a very important role, making a segmentation of each lymph node. In the first one, is detailed the collection of images used in this work and the processing to this. In the second one is explained in detail the segmentation to obtain the measures. Finally the experimental results of the volumes of the nodes are shown, and the advantages and disadvantages of each methods of segmentation are explained to offering a comparison between them, so you can choose the method that offer a better result and the best possible segmentation.

## KEY WORDS

Lymph nodes, cancer, computer tomographic, segmentation, volume.

## INDICE

1. Introducción .....	9
1.1 Antecedentes .....	10
1.2 Objetivos .....	11
2. Colección de datos .....	13
2.1 Adquisición de imágenes .....	13
2.2 Formato de la colección .....	13
3. Interfaz del usuario .....	15
4. Procesamiento de las imágenes.....	15
4.1 Ajuste de la imagen.....	16
4.2 Segmentación del ganglio .....	17
4.2.1 Segmentación por punto central .....	24
4.2.2 Segmentación por región.....	26
5. Obtención de las medidas .....	31
5.1 Diámetro menor .....	31
5.2 Volumen del ganglio .....	32
5.2.1 Segmentación por punto central .....	32
5.2.2 Segmentación por región.....	33
5.3 Tabla de valores.....	33
6. Resultados experimentales.....	34
6.1 Segmentación por punto central .....	35
6.2 Segmentación por región .....	37
6.3 Elección del método más adecuado .....	40
7. Conclusiones y líneas futuras .....	43
7.1 Conclusión .....	43
7.2 Líneas futuras .....	44
8. Referencias bibliográficas.....	45

## INDICE DE ILUSTRACIONES

<i>Figura 1 Ejemplo de un ganglio linfático en un corte de TC axial del abdomen.</i>	10
<i>Figura 2 Corte axial de un paciente con ganglios en el abdomen. Podemos observar la posición central de los ganglios que posee en ese corte axial. ....</i>	12
<i>Figura 3 Ejemplo de hoja de datos de un paciente .....</i>	14
<i>Figura 4 Interfaz que aparece a la hora de ejecutar el software.....</i>	15
<i>Figura 5 Imagen de un corte axial de TC sin ajustar. ....</i>	16
<i>Figura 6 Corte axial de TC con el ajuste aplicado. ....</i>	17
<i>Figura 7 Ganglio a segmentar .....</i>	21
<i>Figura 8 Fragmento de la tabla realizada para su posterior interpolación.....</i>	22
<i>Figura 9 Imagen segmentada del ganglio de la figura 7.....</i>	23
<i>Figura 10 Ejemplo de gráfica del vector Ganglio obtenida mediante segmentación por punto central .....</i>	25
<i>Figura 11 Ejemplo de la zona de interés en la segmentación de un ganglio....</i>	26
<i>Figura 12 Fragmento de la tabla realizada para el cálculo del número de iteraciones. ....</i>	29
<i>Figura 13 Ejemplo de la representación gráfica del vector Ganglio. ....</i>	30
<i>Figura 14 Ejemplo tabla de valores de un paciente.....</i>	33
<i>Figura 15 Ejemplo de segmentación de un ganglio en una imagen con poco contraste y una intensidad alta.....</i>	34
<i>Figura 16 Ejemplo de un ganglio segmentado en una imagen con un mayor contraste.....</i>	35
<i>Figura 17 Ejemplo en el cuál no se obtiene un buen valor para la segmentación .....</i>	36
<i>Figura 18 Ejemplo de gráfica del vector Ganglio.....</i>	36
<i>Figura 19 Ejemplo de segmentación por región.....</i>	38
<i>Figura 20 Comparación de ambas segmentaciones .....</i>	39
<i>Figura 21 Comparación de tablas de medidas obtenidas por ambos métodos</i>	39
<i>Figura 22 Resultados obtenidos en los pacientes con ganglios en la zona abdominal.....</i>	41
<i>Figura 23 Resultados obtenidos en los pacientes con ganglios en la zona del mediastino.....</i>	41



## 1. Introducción

Los ganglios linfáticos se encuentran a lo largo del cuerpo y forman una parte muy importante del sistema inmunitario. Son unas estructuras nodulares que forman agrupaciones en forma de racimos. Estos ganglios ayudan a reconocer y combatir infecciones, gérmenes y otras sustancias extrañas. Cuando se habla de “ganglios inflamados” se trata de un agrandamiento de uno o más ganglios linfáticos. El término médico que se emplea para la inflamación de los ganglios linfáticos es *linfadenopatía*.

La tomografía computarizada (TC) es una tecnología para el diagnóstico con imágenes la cual utiliza un equipo de rayos X especial para crear imágenes transversales del cuerpo. Los usos de la TC son varios, pero cabe destacar su uso para la exploración de huesos fracturados, signos de enfermedad cardíaca y cánceres. Los cortes de tomografía computarizada a pesar de no ser el medio exclusivo es el más elegido entre otros complementarios y el más común a la hora de poder visualizar los ganglios linfáticos.

De manera rutinaria los radiólogos evalúan las zonas cercanas al cáncer primario para observar como progresa la enfermedad y la eficacia del tratamiento. Cuando el tratamiento funciona de una manera positiva y es exitoso los ganglios linfáticos cercanos a la zona afectada disminuyen en su tamaño, del mismo modo se ha podido observar que, si la enfermedad avanza se registran aumentos de tamaño en dichos ganglios circundantes.

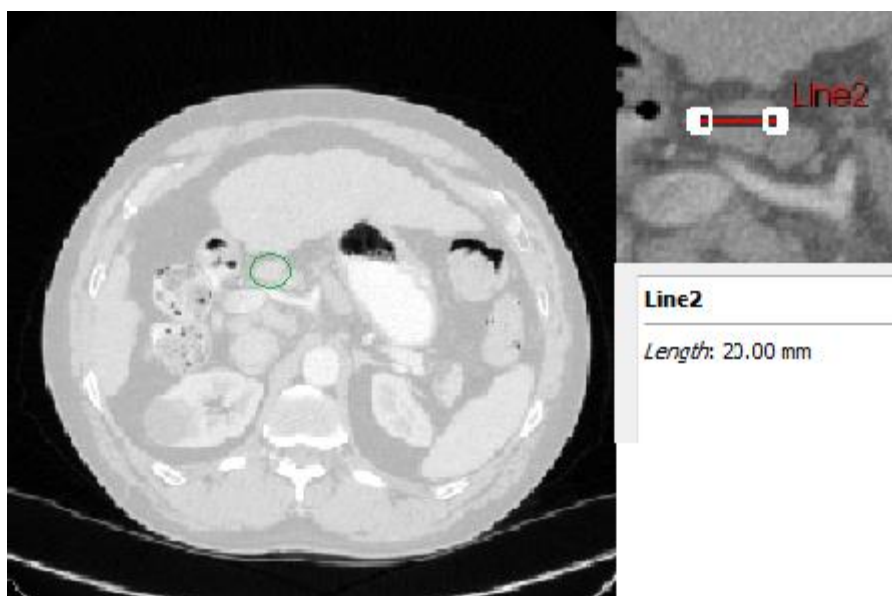
El análisis de los ganglios linfáticos tiene una parte muy importante en el trabajo clínico diario, sobre todo en radiología, siendo esta una tarea muy difícil debido al bajo contraste que existe con las estructuras que hay alrededor en las imágenes de (TC), así como las diferentes formas y tamaños que pueden adoptar cada uno de los ganglios.

Tanto la detección automática y precisa como la segmentación de dichos ganglios para obtener sus características juegan un importante papel para la clasificación de la extensión y gravedad de una enfermedad cancerosa y su tratamiento, por ejemplo, cáncer de pulmón o linfoma.

El tamaño de estos cuerpos suelen medirse en imágenes de (TC) siguiendo la directriz RECIST (Therasse et al., 2000). Un ganglio se considera agrandado cuando su diámetro menor (a lo largo de su eje más corto) mide más de 10 mm en un corte axial [Figura 1]. Debido a esto el análisis cuantitativo representa una parte muy importante para ver cómo van progresando ciertas enfermedades, el pronóstico, la elección de la terapia y los exámenes de seguimiento. Aunque también cabe decir que hacer una diferenciación entre

células malignas o células benignas exclusivamente por su tamaño o cambio de éste no puede ser fiable.

En el trabajo clínico diario como se ha comentado anteriormente, tanto la detección como la evaluación, la realizan los médicos manualmente en cada uno de los cortes axiales de TC y es un trabajo muy tedioso y muy propenso a error ya que los ganglios linfáticos pueden variar considerablemente en forma y tamaño. Estas imágenes pueden dar lugar a confusiones entre los ganglios y algunos órganos cercanos [Figura 1] y además consume mucho tiempo por lo que hace que se acumule mucho trabajo. La detección no es trivial ya que es posible que se pasen por alto muchos de ellos, sobre todo por médicos que acaban de entrar en la profesión y no disponen aún de mucha experiencia a la hora de identificarlos.



*Figura 1 Ejemplo de un ganglio linfático en un corte de TC axial del abdomen.*

## 1.1 Antecedentes

Para superar estos problemas desde hace tiempo se persigue la detección automática de ganglios linfáticos y la segmentación de los mismos para poder obtener las medidas lo más exactas posibles y llevar a cabo una buena evaluación. Aunque en relación a la cantidad de trabajos realizados en la auto-detección y clasificación de ganglios linfáticos en el mediastino [3] y en el abdomen [2, 5] hay que decir que pocas conclusiones hay publicadas hasta la fecha.

La mayoría de los métodos para la detección de ganglios linfáticos publicados a día de hoy tienen un número elevado aún de falsos positivos y gran parte de ellos todavía necesitan alguna interacción por parte del usuario, como por ejemplo un clic de ratón o algo similar. Trabajos anteriores sobre detección automática utilizaban métodos volumétricos con imágenes 3D [6, 7], pero se ha observado que no es una buena opción debido a la poca disponibilidad de datos con los que hoy día se cuenta en estas condiciones así como al consumo de memoria que conlleva trabajar con datos de tanto peso.

Los últimos trabajos realizados se basan sobre todo en la mejora de la detección automática en imágenes de TC [4]. Esta mejora se ha llevado a cabo reduciendo los falsos positivos ya que se han encontrado características comunes, como por ejemplo su ubicación y la intensidad de los píxeles, en el caso del mediastino [8, 9], y en el caso del abdomen también se puede prever la zona donde es más común su aparición [6].

Recientemente se han logrado grandes avances de reconocimiento con la creación de redes neuronales y se han propuesto extensiones de computación neuronal a 3D que parecen prometedores [10, 11], pero el coste computacional y el consumo de memoria aún son muy elevados para implementarlo actualmente en las unidades de hardware de gráficos de ordenador.

En cuanto a la segmentación algunos trabajos utilizan una frontera relativamente borrosa y optan por una segmentación por descenso de gradiente [12], otros sin embargo utilizan un objeto con un límite definido [6].

## 1.2 Objetivos

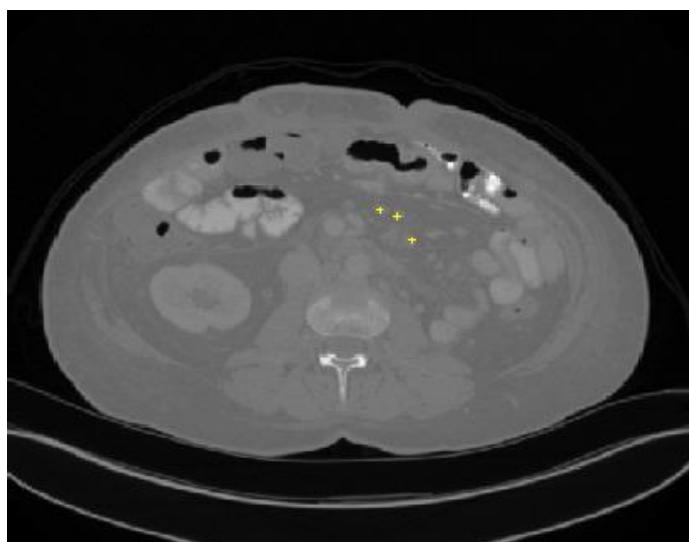
El objetivo de este trabajo es la detección de los ganglios de un paciente y la obtención de sus medidas, ya que se ha observado que ésta es una tarea muy importante en algunas enfermedades, como por ejemplo para el tratamiento del cáncer, la elección de la terapia adecuada y su posterior seguimiento.

Este trabajo presenta una novedad con respecto a otros con esta misma colección, que es la obtención del volumen de cada uno de esos ganglios, ya que se ha observado que podría ser un dato de interés. Debido a que es posible que un ganglio crezca en volumen, por ejemplo se alargue, y sin embargo no se pueda observar ese crecimiento si sólo disponemos de su diámetro más pequeño en una imagen de TC, este podría ser un dato interesante además del tamaño en cada corte axial del ganglio a medir, que es la medida que se ha

utilizado para los estudios anteriores y a partir de la cual se evalúa el crecimiento o decrecimiento de un ganglio.

En este caso ya se cuenta con la detección de los ganglios realizadas y se tiene información de la posición central de cada uno de ellos [Figura 2], de esta forma se puede realizar una evaluación lo más exacta posible para así reunir el mayor número de datos de sus características. Se pretende hacer esta tarea lo más exacta y acertada posible para así poder descongestionar el trabajo clínico diario.

Por lo tanto el resultado final buscado sería la obtención de una tabla de tamaños y volúmenes de cada uno de los ganglios del paciente que el facultativo desee en cada momento, y así poder comparar esta con el resultado de visitas anteriores. De este modo se puede llevar a cabo un buen seguimiento de la enfermedad y poder visualizar si dichos ganglios han cambiado o no en su tamaño, y por lo tanto saber si el tratamiento es efectivo o no.



*Figura 2 Corte axial de un paciente con ganglios en el abdomen. Podemos observar la posición central de los ganglios que posee en ese corte axial.*

Para la obtención de este objetivo se lleva a cabo una segmentación de ganglios linfáticos del abdomen y del mediastino, en imágenes de TC, utilizando como herramienta el programa MATLAB en el cuál se desarrolla el software necesario para la segmentación.

## 2. Colección de datos

### 2.1 Adquisición de imágenes

Como el objetivo principal de este trabajo es elaborar un hardware para la obtención del volumen de ganglios en imágenes de TC, es fundamental la adquisición de una buena base de datos, ya que sino carecería de sentido. Por lo tanto se ha hecho una búsqueda exhaustiva de imágenes en la web.

Finalmente, después de evaluar algunas bases de datos que se han encontrado, se ha contado con una base de datos de la página web “*Cancer imaging machine*”. Esta colección consiste en 101.103 imágenes de tomografía computarizada (TC) del mediastino y del abdomen en las cuales las posiciones de los ganglios linfáticos están marcadas previamente por radiólogos.

Los radiólogos marcaron un total de 388 ganglios linfáticos del mediastino en imágenes de TC de 90 pacientes y 595 ganglios linfáticos del abdomen en imágenes de TC de 86 pacientes.

### 2.2 Formato de la colección

En primer lugar, cuando se obtiene la colección de imágenes se observa que se compone de dos carpetas principales:

- Una carpeta que contiene 86 pacientes con ganglios en el abdomen.
- Una segunda carpeta en la que se encuentran 90 pacientes con ganglios en el mediastino.

Por lo tanto se procede a la realización de dos software, uno para cada carpeta. De modo que el facultativo a la hora de utilizar esta herramienta, utiliza uno u otro dependiendo de la zona donde el paciente tenga que ser observado. Ambos software son técnicamente iguales, la única diferencia es el lugar de obtención de los datos, o lo que es lo mismo, la carpeta de la cual se accede a las imágenes correspondientes.

Dentro de cada paciente se observan dos conjuntos de datos:

- Todas las imágenes que corresponden a cada uno de los cortes axiales de TC.

- Una base de datos con los índices de todos los ganglios que pertenecen a ese paciente.

### Índices de los ganglios.

Como ya se ha comentado, para cada paciente se tiene una base de datos que contiene los índices de cada uno de sus ganglios.

En esta base de datos se encuentran los ganglios de la siguiente forma:

Cada una de las filas es la posición de un nuevo ganglio. La posición se encuentra representada por el índice de su voxel central, con cada una de sus tres coordenadas, sagital, coronal y axial, que corresponde a las coordenadas x, y, z (que en este caso sería cada una de las imágenes de los cortes axiales de TC), respectivamente [Figura 3]. Por lo tanto esta hoja de datos tendrá tantas filas como ganglios posea el paciente, y siempre contará con tres columnas, que representan cada una de las coordenadas del voxel central.

Así de esta forma, si en cualquier momento se detectara cualquier otro ganglio, bastaría con añadir en una nueva fila las coordenadas del mismo, con el mismo formato expuesto anteriormente.

Archivo	Edición	Formato	Ver	Ayuda
203	224	318		
302	192	281		
253	199	325		
307	251	306		
286	192	297		
297	209	288		
285	204	288		
308	229	288		
244	229	259		
358	179	97		
320	184	69		
331	188	13		
191	189	55		
189	203	55		
166	183	84		
172	211	104		
246	265	340		
245	259	313		
250	256	298		

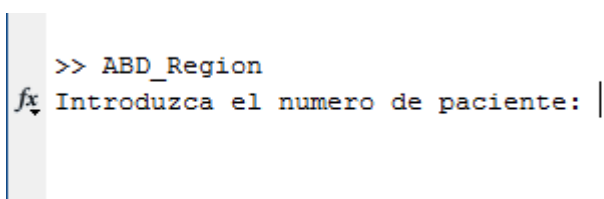
*Figura 3 Ejemplo de hoja de datos de un paciente*

### 3. Interfaz del usuario

Para el funcionamiento de este software la interacción del usuario es muy limitada.

En primer lugar como se ha explicado en el siguiente apartado, si el usuario quiere utilizar esta herramienta es necesario que accione un software u otro dependiendo de, si el paciente a tratar tiene ganglios en la zona del mediastino, o si por el contrario los ganglios que posee los tiene localizados en el abdomen.

Una vez que accione la herramienta correspondiente recibirá un aviso preguntando cual es el número del paciente del cual desea que sus ganglios sean medidos [Figura 4].



*Figura 4 Interfaz que aparece a la hora de ejecutar el software*

En este caso solo tendría que introducir el número del paciente del cual necesita esta consulta desde el teclado de su ordenador.

Pasado un tiempo de ejecución ya puede acceder la tabla proporcionada con todos los datos necesarios para su evaluación y comparación si es necesario.

### 4. Procesamiento de las imágenes

El procesamiento de imágenes tiene como objetivo mejorar el aspecto de las imágenes y hacer notar en ellas detalles que anteriormente no eran posibles y deseamos verlos con más claridad.

Por eso en este trabajo el procesamiento de las imágenes de TC es la parte más importante, ya que de aquí se va a mostrar el ganglio que es de interés para así poder evaluarlo y extraer todas las características que sean necesarias.

Cuanto mejor y más exacto sea este procesamiento, mejores serán los resultados.

En primer lugar como se ha comentado anteriormente para cada paciente se conocen todos sus ganglios, y de cada ganglio se saben las coordenadas de su voxel central. Por lo tanto se accede a la primera fila, en la cual se encuentran las coordenadas del primer ganglio y se procede a la segmentación, y así sucesivamente para todos y cada uno de los ganglios que posee cada paciente en la hoja de datos.

Como se conocen las coordenadas, el primer paso es acceder a la tercera coordenada, que corresponde a la imagen del corte de TC en la cual se encuentra el centro de ese ganglio. Cuando se sabe a qué imagen corresponde el centro del ganglio se procede a la lectura de ésta. Las imágenes están en formato "DICOM", por lo que el comando para leer la imagen sería 'dicomread'.

#### 4.1 Ajuste de la imagen

Una vez que se carga la imagen se puede observar que las imágenes de las que se dispone para este trabajo son imágenes en escala de grises que tienen muy bajo contraste por lo tanto esto dificulta la labor de la diferenciación del ganglio de las estructuras circundantes [Figura 5].

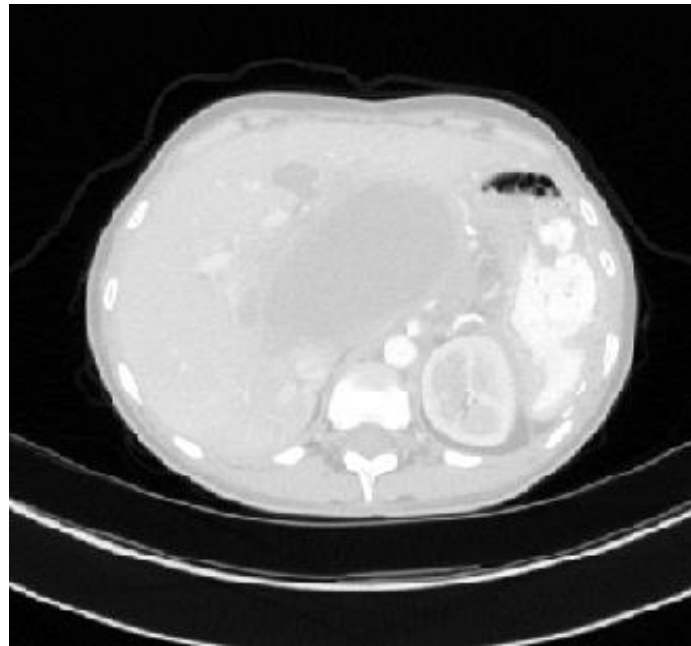
Cuando se habla de contraste se hace referencia al cambio de luminosidad que existe entre unas zonas más oscuras o más claras de una imagen. Para el ajuste de contraste de imágenes se puede contar con muchas opciones que ofrece MATLAB.



*Figura 5 Imagen de un corte axial de TC sin ajustar.*



En este caso se ha optado por un ajuste del contraste automático que podemos encontrar en las herramientas de este programa: “imadjust”. Este ajuste automático asigna los valores de intensidad a la nueva imagen, de forma que el 1% de los datos se satura a intensidades bajas y altas de la imagen original [Figura 6]. De esta forma aumenta el contraste de la nueva imagen que obtenemos y así podemos observar mejor aquello que nos interesa.



*Figura 6 Corte axial de TC con el ajuste aplicado.*

Una vez que se obtiene la imagen central del ganglio que nos interesa, lo siguiente es localizar el ganglio con las coordenadas de las cuales disponemos y llevar a cabo la segmentación, para así poder calcular su tamaño y posteriormente su volumen.

## 4.2 Segmentación del ganglio

El proceso de segmentación se basa en dividir una imagen digital en varios grupos de píxeles u objetos. La segmentación se utiliza tanto para detectar objetos como para determinar el límite de estos dentro de una imagen. El fin de realizar una segmentación es cambiar la representación de una imagen en otra que sea más significativa y más fácil de analizar para el objetivo perseguido.

En definitiva la segmentación se basa en definir una etiqueta a un pixel que sea de interés, y de esta forma los pixeles que compartan la misma etiqueta obtendrán características visuales similares. De esta forma se puede definir un objeto que queramos visualizar y así poder extraer características de él.

Por lo tanto como el objetivo de este trabajo se basa en la búsqueda del volumen del ganglio y se sabe la localización de cada uno de ellos, se lleva a cabo una segmentación en cada uno de los cortes de TC que sea necesario para cada ganglio.

Como ya se ha explicado anteriormente, se dispone de la imagen que corresponde con el centro del ganglio, esta imagen ya se ha leído y ajustado para una mejora de su contraste. Para la obtención del ganglio se ha optado por una segmentación que comienza en la imagen central y posteriormente, sabiendo ya su localización, se va segmentando cada uno de los cortes posteriores y anteriores a este corte central, de esta forma en el momento que el ganglio desaparezca por ambos límites tendremos toda la superficie que abarca dicho ganglio.

Para la segmentación central se eligió una herramienta de MATLAB que responde por el comando 'imsegfmm'. El comando nombrado es una herramienta que devuelve una matriz segmentada utilizando el método de marcha rápida. Para la primera imagen se ha elegido esta forma de segmentación ya que esta herramienta segmenta una imagen a partir del valor de un pixel, y como se ha comentado en secciones anteriores, en la base de datos de cada paciente se cuenta con el valor del pixel central.

Para la utilización de este comando se necesitan los siguientes atributos:

- Máscara
- Matriz de peso
- Umbral de corte

### Máscara

Se denomina máscara a una matriz que se crea con el objetivo de indicar cuál es el valor del pixel que nos interesa para etiquetar nuestra imagen y segmentar a partir del valor de éste. Esta máscara debe tener el mismo tamaño que la imagen la cual se quiere segmentar y será una matriz compuesta de ceros en su totalidad, excepto el pixel de interés.

Para obtener las coordenadas de este pixel, se accede a la base de datos del paciente correspondiente, y en su interior, al ganglio que se esté

segmentando en ese momento. En esta fila donde se encuentra dicho ganglio, la primera columna y la segunda corresponden a las coordenadas x e y respectivamente.

Por lo tanto una vez obtenidas las coordenadas ya se puede crear la máscara deseada.

### Matriz de peso

Esta matriz de peso es una matriz numérica de valores positivos la cual contiene la diferencia de gradiente que existe entre la máscara y el resto de los píxeles de la imagen. Idealmente esta matriz debería tener los valores más altos en la región que va a ser segmentada y valores bajos en el resto de la imagen. Cuanto mejor se asemeje esta matriz a lo ideal mejor serán los resultados obtenidos de la segmentación

Esta matriz de peso se puede calcular utilizando los siguientes comandos:

- 'graydiffweight': Para el cálculo del peso de la imagen este comando se basa en la diferencia de intensidad de grises existente entre los píxeles de la imagen y la máscara utilizada.
- 'gradientweight': Este comando calcula el peso de cada uno de los píxeles de la imagen a partir del gradiente existente entre cada uno de sus píxeles.

En este caso se utiliza el comando 'graydiffweight' ya que se cuenta con un pixel de referencia y por lo tanto con una máscara para poder calcular la diferencia de gradiente existente entre ésta y los demás píxeles.

Cuando se utiliza este comando a la hora de obtener la diferencia de intensidad del ganglio con respecto al fondo de la imagen, hay una serie de factores determinantes para ello.

En los bordes de una imagen como se puede ver la intensidad de los píxeles pueden variar progresivamente, creando una pendiente. 'RolloffFactor' controla la rapidez con la que cambian de intensidad los píxeles en una imagen. Este parámetro tiene un rango sugerido de [0.5 4] y utilizándolo se puede controlar la pendiente de la curva donde los valores empiezan a cambiar. Si se especifica un valor alto los valores de salida caen drásticamente, sin embargo si es un valor más bajo se logra una caída más gradual.

Otro punto importante para la correcta segmentación del ganglio es el valor que viene dado por 'GrayDifferenceCutoff'. Aquí se define un umbral para la diferencia de intensidad en los bordes de la imagen. Este parámetro definido se encarga de establecer un umbral para el cual los píxeles que tengan una

diferencia mayor que el punto de corte asignado directamente tomen el valor más pequeño.

En este caso se utiliza 'RollofFactor=0.53 para poder calcular la matriz de peso correspondiente. Como se puede observar el valor utilizado es un valor muy bajo debido a que en las imágenes de las que se dispone existe muy poco contraste y la pendiente de la curva es muy gradual, por lo tanto si se quiere conseguir la mayor efectividad posible de los bordes y así poder conseguir una mejor segmentación del ganglio, este valor es necesario. De este modo se puede delimitar con más exactitud los límites de cada ganglio.

Finalmente con este valor, la imagen de interés y la máscara correspondiente a dicho ganglio, se obtiene la matriz de peso necesaria para la segmentación.

### Umbral de corte

A la hora de segmentar una imagen además de dicha imagen a segmentar y la máscara correspondiente al punto que queremos tomar de referencia, se necesita un valor que determine donde se desea que finalice la segmentación para delimitar el límite del objeto.

Este valor es denominado como 'thresh' y su función es determinar el umbral de corte de la imagen segmentada. Es un escalar no negativo que toma valores entre [0 1]. Valores bajos de este atributo suelen dar lugar a regiones de segmentación grandes en la imagen resultante, del mismo modo valores cercanos a la unidad devolverán una imagen segmentada con regiones pequeñas.

Por lo tanto éste no es un valor fijo para todos los pacientes y para todas las imágenes, sino que es necesario que sea calculado para cada ganglio que se vaya a segmentar. Esto es así debido a que cada imagen tiene un contraste diferente y una matriz de peso diferente, sobre todo debido a que todos los ganglios no tienen los bordes tan diferenciados, por lo que es importante para encontrar bien el límite de cada ganglio ajustar el valor a cada una [Figura 7].

Para llevar a cabo este cálculo, en primer lugar se hizo una comprobación manual de los valores en los cuales solía oscilar este atributo, y en segundo lugar se hizo una observación de las características de las imágenes, para poder obtener este valor dependiendo de ellas.

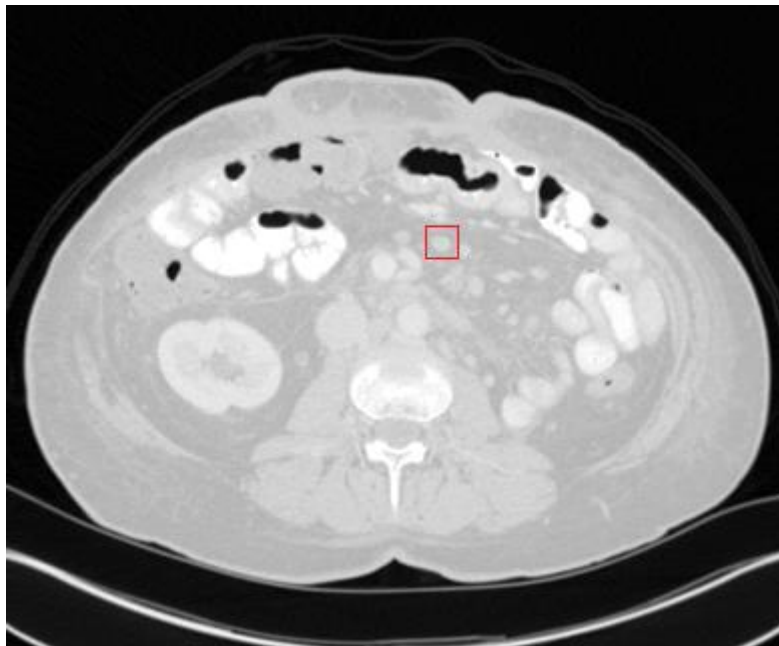
Se llegó a la conclusión de que hay dos características esenciales relacionadas con la diferencia de contraste entre el ganglio y sus límites, de las cuales depende el valor de este atributo:

- Intensidad del ganglio:

Para el cálculo de este valor se ha tomado una región estándar, atendiendo a un valor de tamaño medio de todos los ganglios que se poseen. Esta región de 20x20 pixel, teniendo como centro el punto central del ganglio, es la zona donde se mide la intensidad media.

- Gradiente del ganglio:

Para medir la diferencia de gradiente existente entre el pixel central y los demás pixeles correspondientes se ha utilizado la misma región comentada anteriormente. Por lo tanto este valor se obtiene calculando la media de esa región en la matriz de peso que ya hemos obtenido en el apartado anterior.



*Figura 7 Ganglio a segmentar*

Una vez que se conocen ambos valores, se hizo manualmente una asignación del atributo 'thresh' a un número de ganglios al azar y se fue comprobando con cada uno de los ganglios seleccionados el umbral necesario para su correcta segmentación, introduciendo todos los datos obtenidos en una tabla [Figura 8] y llevándose a cabo finalmente una interpolación para el correcto cálculo del umbral de corte en cada imagen.

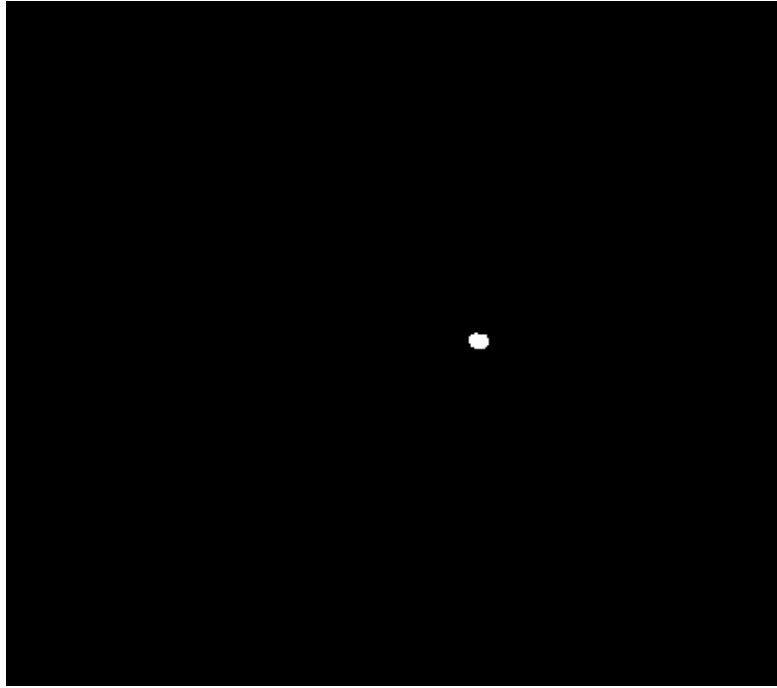
Se denomina interpolación a la obtención de nuevos puntos partiendo del conocimiento de un conjunto discreto de puntos, por lo tanto para una correcta segmentación para cada ganglio se calcula la intensidad de éste y su gradiente. Cuando ya se conocen ambos valores de la imagen se interpolan estos datos para poder obtener como salida un umbral de corte que funcione correctamente en esta segmentación.

Paciente	Ganglio	t	IntMask	DiffGradMas
4	8	0.00002	6502,49887	13378,6363
4	3	0.00002	7925,14512	6079,08631
4	4	0.00001	9639,16327	9805,17104
3	13	0.00002	14991,6304	2696,40413
49	1	0.00001	15255,3469	10949,7913
81	1	0.00002	15399,6349	26346,9357
2	25	0.000015	16885,1837	15477,665
3	7	0.000025	17525,4535	4426,61133
3	6	0.000025	17904,1587	4989,89503
17	1	0.00001	18070,8027	13170,1624
86	1	0.000007	18624,9932	19755,9455
2	24	0.000015	18956,2018	14473,723
3	10	0.00003	19345,0567	4480,07836
36	1	0.000015	19345,4649	29287,8543
2	23	0.00002	19375,7574	9532,74418
3	2	0.000025	19522,4104	8517,70325
1	1	0.00003	20257,517	7,46E+03
77	1	0.00003	20377,2608	5021,85078
2	2	0.00001	20669,2245	12764,1501
4	1	0.00002	20833,5215	8593,10999

*Figura 8 Fragmento de la tabla realizada para su posterior interpolación*

Cabe decir que a medida que se han ido realizando segmentaciones de pacientes, se han ido incorporando a la tabla nuevos valores para así poder obtener un resultado en la interpolación lo más óptimo posible, además de la necesidad de ir calculando manualmente umbrales en algunas imágenes debido a que estaban por encima o por debajo de los que conformaban la tabla, y así aumentar el rango de funcionamiento de la interpolación.

Una vez que ya se ha calculado el umbral de corte, la máscara y la matriz de peso correspondiente en su imagen central, ya se puede realizar correctamente la segmentación del corte central del ganglio [Figura 9].



*Figura 9 Imagen segmentada del ganglio de la figura 7*

Por otro lado, para el posterior cálculo del volumen del ganglio, cada vez que se obtiene una imagen segmentada, se calcula su área. Esta área es posible calcularla con una herramienta de MATLAB la cuál devuelve las propiedades que se desean de una región en una imagen determinada. Esta herramienta responde al comando de 'regionprops' y para que devuelva el área simplemente hay que introducirle como atributo a este comando la función 'Area'.

Esta área calculada es guardada en un vector denominado "Ganglio", en la posición que corresponde al corte en el cuál se ha segmentado. Por lo que finalmente obtendremos un vector que contiene en cada posición el área del ganglio correspondiente a ese corte axial.

Para continuar con la segmentación del ganglio y poder calcular su volumen es necesaria la segmentación de este en su totalidad, por lo que lo siguiente a este paso será ir segmentando cada corte anterior y posterior al corte central, como se ha comentado en apartados anteriores, hasta que desaparezca el ganglio. Para la segmentación de dichos cortes se han llevado a cabo dos métodos:

- Segmentación por punto central.
- Segmentación por región.

#### 4.2.1 Segmentación por punto central

En este caso para la segmentación de los cortes axiales anteriores y posteriores se utilizó el mismo método que se llevó a cabo en el corte central, pero en este caso para la segmentación de cada corte se utiliza información del corte anterior.

En la segmentación del primer corte axial posterior y el primer corte anterior se utiliza el mismo centro que se ha utilizado para la imagen central, o lo que es lo mismo las coordenadas del punto central del ganglio que se encuentran en la base de datos de cada paciente. Pero para los cortes axiales restantes se utiliza el centro que calculamos de la región segmentada de la imagen anterior.

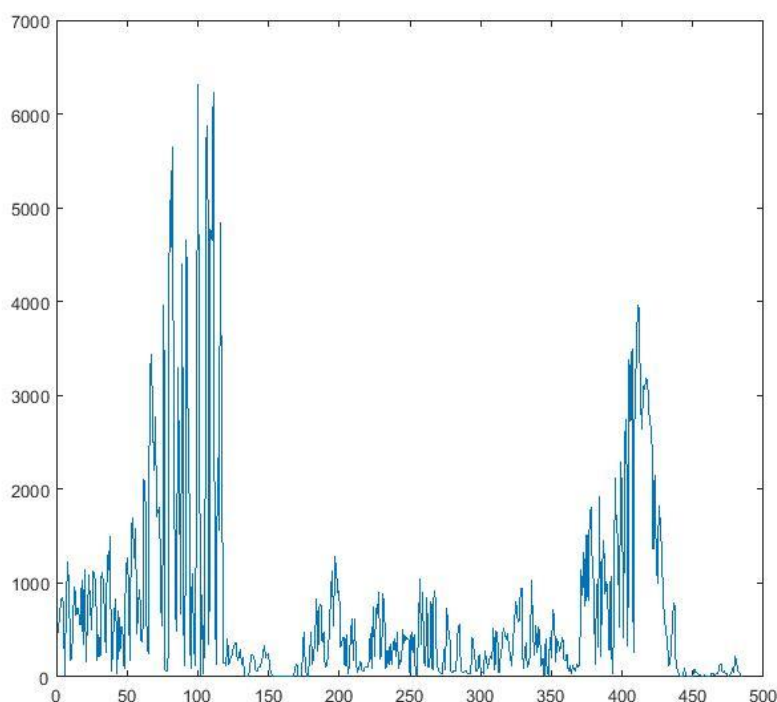
Para calcular ese centro de la región segmentada se recurre a una herramienta que posee MATLAB denominada 'regionprops'. Con este comando, como en el caso anterior para calcular el área, es posible calcular propiedades de una región en una imagen determinada.

En este caso cada vez que se obtiene una imagen segmentada se calcula su centro introduciendo a este comando el atributo 'Centroid', y posteriormente utilizamos las coordenadas obtenidas para la segmentación de la siguiente imagen. Como no es posible calcular el centro de un ganglio hasta que no obtenemos su imagen segmentada, el cálculo de la imagen segmentada de cada corte depende del centro de la imagen anterior.

Cabe destacar que en cada segmentación de cada corte axial no es posible calcular el umbral de corte, ya que es muy propenso a error, por lo que para todos los cortes axiales se utiliza el mismo umbral, que es determinado por la interpolación realizada en el corte central. Por otra parte este cálculo tampoco es excesivamente necesario ya que se está segmentando el mismo ganglio en imágenes de un mismo paciente, por lo que no difiere demasiado de un corte a otro.

Como resultado final se obtiene un vector con el valor de las áreas de todos los cortes axiales [Figura 10]. Esto es así debido a que esta segmentación utiliza como referencia un punto central y cuando el ganglio desaparece sigue segmentando otros objetos que va encontrando y que ya no forman parte del ganglio. Para poder calcular el volumen es de interés la parte en la cual se segmenta el ganglio, por lo que es importante definir cuáles son los cortes que lo delimitan [Figura 11].





*Figura 10 Ejemplo de gráfica del vector Ganglio obtenida mediante segmentación por punto central*

Para definir estos límites se ha observado que en la segmentación las áreas van disminuyendo conforme la segmentación va llegando a los límites del ganglio. Esto es así porque como se ha comentado en algún apartado anterior, los ganglios tienden a tener forma aplanada, y aunque son muy variables en cuanto a tamaño y forma, en las proximidades a sus extremos suelen ser más pequeños en diámetro.

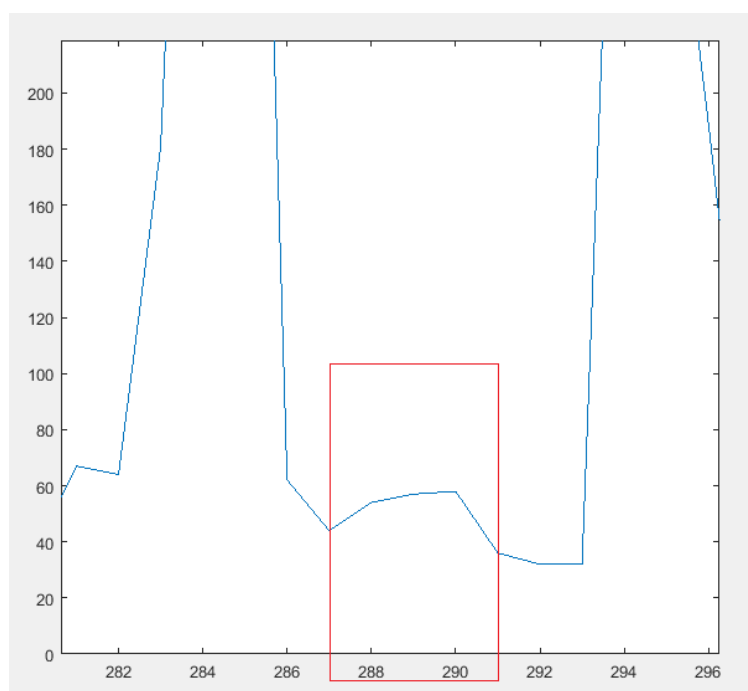
Además cuando se termina la segmentación de un ganglio, normalmente la segmentación del siguiente corte axial suele dispararse en cuanto a tamaño, ya que no encuentra un área pequeña que segmentar, sino que toma como referencia el fondo y el área resultante en la segmentación es mucho mayor.

Por lo tanto para poder buscar esos extremos es necesario encontrar mínimos correspondientes a la zona donde se encuentra el ganglio, y de esta forma poder saber los cortes que conforman el ganglio en su totalidad y desechar los demás que no tienen ningún interés con respecto a ese ganglio.

Para poder definir los correspondientes mínimos se lleva a cabo el cálculo de la diferencia que hay entre las áreas que conforman el vector, para así poder saber el gradiente entre el área que hay en un corte y su anterior. Haciendo una observación de algunos ganglios, se ha elegido un valor a partir del cual, si la diferencia de áreas lo supera, entonces se trata de un mínimo, y por lo tanto lo

definimos como tal. Este valor definido es 30 y se ha elegido un valor tan bajo porque algunos ganglios son relativamente pequeños y sino no se podría encontrar de forma correcta sus extremos. De esta forma se obtienen los mínimos donde encontramos los cambios de signos en dicho vector Ganglio.

Una vez obtenidos estos mínimos la siguiente tarea es definir los mínimos que son de interés y delimitan el ganglio, y para ello se sigue el mismo método que cuando se segmentan los ganglios. Se empieza desde el corte central y se busca por los cortes superiores e inferiores hasta que encontremos el primer mínimo por ambos lados, y ese será el corte que delimite nuestro ganglio.



*Figura 11 Ejemplo de la zona de interés en la segmentación de un ganglio.*

#### 4.2.2 Segmentación por región

En esta forma de segmentación, igual que en el método anterior, para la segmentación de los cortes superiores e inferiores se utilizan características de las imágenes segmentadas anteriormente, pero en este caso no se utiliza el centro del ganglio, sino que se segmenta con respecto a la región segmentada de la imagen anterior.

Para este método de segmentación por región, la herramienta que MATLAB ofrece y que es utilizada en este caso, responde por el comando 'activecontour'. Este permite segmentar imágenes 2D en escala de grises a un

objeto y sus regiones de fondo, usando una segmentación basada en el contorno activo. La imagen de salida que produce este método es una imagen binaria, donde el objeto segmentado aparece en color blanco, y el resto, o lo que es lo mismo, el fondo, aparece en negro.

Esta herramienta necesita una serie de atributos para su correcto funcionamiento y cuanto mejor se ajusten estos valores, más acertado será el resultado de la imagen segmentada. Los argumentos de entrada son los siguientes:

- Imagen a segmentar.
- Máscara.
- Máximo número de iteraciones.
- Método de contorno activo.

#### Imagen a segmentar

Este atributo es trivial y fácilmente deducible. Una vez que se ha leído la imagen y ajustado para la mejora de su contraste, es el atributo más importante a la hora de la segmentación.

Como se ha comentado en el apartado anterior esta imagen es leída anteriormente así como ajustada en contraste para un correcto funcionamiento de la segmentación

#### Máscara

Al igual que el método anterior, este método necesita una máscara para su funcionamiento. En este caso la máscara no se trata de un punto en concreto (el punto central), sino que se trata de una región. Esta región determina el contorno inicial en el cual comienza la segmentación.

Es necesario que la máscara sea una imagen binaria del mismo tamaño que la imagen que se quiere segmentar. Por lo tanto al igual que en el método anterior, la imagen estará compuesta de ceros en su totalidad, excepto la región en la cual se busca la segmentación

Para la obtención de esta región se utiliza el mismo comando con el que anteriormente se obtienen otras propiedades necesarias de las imágenes: 'regionprops'. En este caso el argumento que es utilizado para la obtención de la región es 'BoundingBox'.

Este atributo devuelve un vector que contiene las dimensiones del rectángulo. Como primer elemento del vector se encuentra la esquina izquierda de la región, y posteriormente se hallan dos valores más, la distancia en X de

esta esquina hasta la esquina derecha y la distancia en Y hasta la esquina inferior izquierda.

Por lo tanto una vez que se tienen estos valores se cuenta con la información necesaria para la creación de la máscara.

#### Máximo número de iteraciones

Activecontour detendrá la evolución de la segmentación por contorno activo si la posición del contorno en la iteración actual es la misma que una de las posiciones de contorno de las cinco iteraciones más recientes, o si se alcanza el número máximo de iteraciones.

Este valor determina el número máximo de iteraciones para llevar a cabo en la evolución de la segmentación y es especificado como un valor numérico.

Si la posición inicial de contorno (especificada por los límites de región en la máscara) está lejos de los bordes del ganglio serán necesarias más iteraciones, en cambio si los bordes del ganglio se encuentran muy cercanos a posición de contorno inicial el número máximo de iteraciones es menor.

Del mismo modo que ocurría con el umbral de corte en el método anterior, el número de iteraciones depende del contraste y gradiente de cada imagen, por lo que es necesario el cálculo previo para su correcto funcionamiento.

Siguiendo el mismo método de cálculo, se hizo una prueba manual para un número determinado de ganglios y se determinó para cada uno de ellos cuál sería el número máximo de iteraciones necesario para una buena segmentación. Se observó que del mismo modo que en el método anterior el valor de este atributo dependía de la intensidad media del ganglio y su gradiente medio.

En este caso para la obtención de la intensidad media y del gradiente medio no se utiliza una región estándar como en el caso anterior, en este caso se utiliza la región obtenida para la máscara, ya que es el rectángulo más pequeño que contiene la región segmentada. Así que se calcula la media de intensidades de la imagen en la región de la máscara y la media de gradiente de la matriz de peso en dicha región también.

Por lo tanto se ha realizado una tabla [Figura 12] en la cual se incluyen el número de iteraciones necesarias para la correcta segmentación, el gradiente medio y su intensidad media, de ganglios elegidos al azar.

Paciente	Ganglio	iteracciones	IntMask	Grad
4	7	15	11635,5989	13333,9853
83	1	30	14706,975	8529,64219
58	1	14	15080,0455	12298,9344
2	25	50	18637,4048	18327,0753
36	1	50	19032,9247	22529,86
45	1	50	19320,8693	16995,1
3	7	5	20066,225	15440,4573
3	15	10	20115,4082	24169,7745
86	1	50	20131,8235	24374,5602
3	6	4	20436,3333	19647,5946
4	1	20	21162,9453	12223,3043
1	1	50	21397,9789	10899,6752
1	2	50	21425,1837	14151,6603
28	3	1000	21934,4722	10484,6848
75	10	500	22206,5539	21823,6101
4	6	12	22215,6012	17932,0313
3	12	25	23388,432	11417,7348
62	4	30	24798,5249	9272,10673

*Figura 12 Fragmento de la tabla realizada para el cálculo del número de iteraciones.*

Posteriormente de la realización de esta tabla se lleva a cabo una interpolación para poder determinar en cada ganglio cuál será el número correcto de iteraciones.

Cabe destacar, del mismo modo que en el método anterior, que esta interpolación se realiza una única vez para cada ganglio después de la segmentación del corte central, ya que una actualización de este valor en cada uno de sus cortes no es trivial y da lugar a muchos errores. Del mismo modo la tabla se ha ido actualizando a medida que se ha necesitado añadir valores fuera de los límites establecidos en la tabla y también para un mejor funcionamiento del cálculo de este valor.

#### Método de contorno activo

La definición de cuál es el método de contorno activo que se va a utilizar en la segmentación es necesaria. Se cuenta con dos posibles métodos a utilizar:

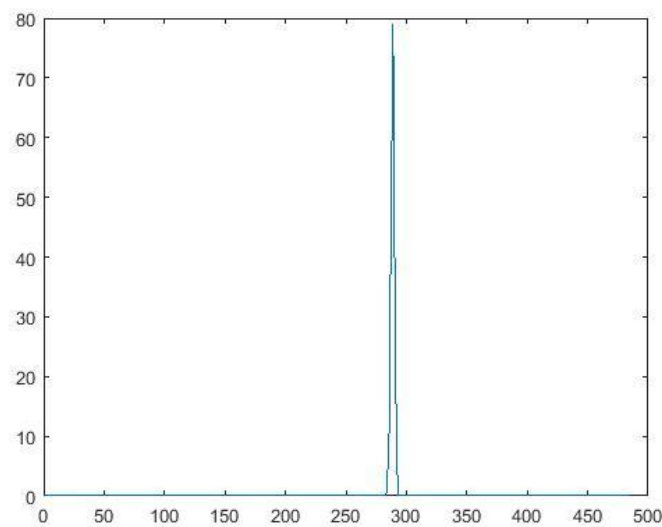
- Chan-Vese. Utiliza un método de contorno activo sin bordes.
- Edge. Segmenta a partir de contorno activo geodésico.

En este caso se utiliza el método Edge para la segmentación por contorno activo ya que se ha observado que tiene un mejor funcionamiento con esta colección de datos para detectar con más facilidad los bordes del ganglio.

Una vez obtenidos todos los atributos necesarios para este método ya se puede llevar a cabo la segmentación de los cortes axiales en los cuales se encuentra el ganglio. Para la segmentación tanto del primer corte axial superior al corte central, como del primer corte inferior se utiliza la región obtenida de la imagen segmentada central.

Para los siguientes cortes cada vez que se segmenta una imagen se extrae la región que engloba ese ganglio como se ha comentado, y esa información es utilizada para la segmentación del corte siguiente.

Finalmente se obtiene un vector con el resultado de las áreas que conforman el ganglio [Figura 13].



*Figura 13 Ejemplo de la representación gráfica del vector Ganglio.*

Para este método no es necesario la búsqueda de los límites del ganglio en la gráfica, ya que este tipo de segmentación va reduciendo la región de búsqueda del ganglio hasta que finalmente la imagen de segmentación devuelta es una imagen compuesta totalmente de ceros, una imagen en negra. Por lo tanto en ese momento se para la segmentación y obtenemos directamente la región que nos interesa [Figura 19].

## 5. Obtención de las medidas

Ya que el fin de este trabajo es la obtención de las medidas ganglio, es muy importante extraer lo mejor posible estas características y su posterior visualización para que el usuario pueda llevar a cabo la tarea de analizar los resultados obtenidos dependiendo de la enfermedad. Se va a llevar a cabo el cálculo de dos medidas en cada ganglio:

### 5.1 Diámetro menor

En primer lugar se extrae el diámetro menor de cada ganglio en todos los cortes axiales que lo conforman. Esta medida es importante ya que como se comentó anteriormente según la directriz RECIST (Therasse et al., 2000), si un ganglio mide más de 10 mm de diámetro menor en su eje más corto, se considera que este ganglio está agrandado, por lo que el paciente tendría una linfadenopatía.

Hay que diferenciar la forma de calcular este diámetro dependiendo de si se utiliza un método de segmentación u otro, ya que como se puede observar el método de segmentación por región solo segmenta los cortes que conforman el ganglio, pero en el método de segmentación por punto central se segmenta todos los cortes de TC y es necesaria la búsqueda posterior de los límites del ganglio.

En el caso de segmentación por región el cálculo se va haciendo a la vez que se van segmentando los cortes axiales y una vez que termina la segmentación ya se dispone del diámetro. En el caso de la segmentación por punto central cuando se han segmentado todos los cortes axiales se obtiene un vector con todos los diámetros de cada corte. Por lo tanto cuando se saben los límites del ganglio, en los cortes que lo conforman se calcula cuál es el diámetro menor.

Cuando se realiza la segmentación y se obtiene la imagen segmentada, en este trabajo se ha comentado en múltiples ocasiones que existe una herramienta de MATLAB, que responde con el comando de 'regionprops', que devuelve propiedades específicas de una región.

En este caso esta herramienta cuenta con un par de atributos muy interesantes a la hora de calcular diámetros en una región:

- **MajorAxisLength:** Devuelve un escalar que especifica el tamaño del diámetro mayor que tiene la región
- **MinorAxisLength:** Este parámetro devuelve el diámetro menor que tiene la región.

Por lo tanto como lo que se necesita para la evaluación de la enfermedad es el diámetro menor, se utiliza `MinorAxisLength`. Este escalar devuelve el tamaño en pixel pero lo que se necesita son milímetros. Cada vez que se obtiene una imagen segmentada se utiliza este atributo y se obtiene el diámetro menor en ese corte.

En la base de datos de la cual se descargaron las imágenes se puede encontrar la relación que hay entre los pixeles y los milímetros. Se conoce que cada pixel son 0.82 mm por lo tanto lo único que tenemos que hacer es utilizar esa relación y obtener la medida en milímetros del diámetro menor.

## 5.2 Volumen del ganglio

La obtención de esta medida es un punto muy importante en este trabajo ya que en trabajos anteriores realizados con esta colección de datos se obtiene el diámetro menor del ganglio pero no se obtiene el volumen.

Se ha pensado que esta característica puede ser de interés ya que el crecimiento y agrandamiento de los ganglios no necesariamente tiene que ser en su diámetro, podría ser que el ganglio se esté alargando, ya que tiene una forma como de plátano generalmente, y con el diámetro no es posible saberlo. Por lo tanto con esta medida el usuario puede saber si el ganglio en general está más grande que en alguna revisión o visita anterior, y poder actuar frente a ello.

Para el cálculo del volumen ocurre lo mismo que cuando se calcula el diámetro menor. Hay que diferenciar la forma de hacerlo dependiendo del método que se elija. Se utiliza el vector `Ganglio`, que ya se ha definido anteriormente que se trata de un vector que contiene las áreas de las imágenes segmentadas. Este vector cambia su contenido dependiendo de si se segmenta con un método u otro, por lo tanto la forma de calcular el volumen cambiará dependiendo del método utilizado.

### 5.2.1 Segmentación por punto central

En este tipo de segmentación el cambio del volumen depende de los límites calculados anteriormente. Cuanto mejor sea el cálculo de esos límites, con mayor exactitud se obtiene un volumen que se acerque a la realidad.

Una vez que se tiene delimitada la zona donde se encuentra el ganglio, se obtienen las áreas correspondientes a cada uno de los cortes



que conforman el ganglio. Ya que se conoce la relación existente entre los pixel y los milímetros y la distancia que hay entre corte y corte es de 1 mm, es posible calcular el volumen de una forma trivial.

### 5.2.2 Segmentación por región

En la segmentación por región el cálculo del volumen es aún menos complicado ya que el vector Ganglio solo contiene las áreas correspondientes a los cortes que conforman el ganglio.

Por lo tanto lo único que hay que hacer es acceder al vector, y con cada una de las áreas que contiene realizar la misma operación que en el método anterior, sabiendo la relación entre pixel y milímetros y que la distancia entre cortes axiales es de 1 milímetro, el cálculo es sencillo.

### 5.3 Tabla de valores

Para que el usuario pueda tener una correcta visualización de cada paciente, se ha creado una matriz que contendrá todos estos ganglios junto con sus correspondientes medidas [Figura 14].

Esta matriz estará compuesta por tantas filas como ganglios posea el paciente y tres columnas.

- En la primera columna se encuentra el número del ganglio correspondiente,
- En la segunda el diámetro menor (en milímetros) de cada ganglio, y
- En la tercera columna el volumen (también en milímetros).

Cada vez que se segmenta un ganglio se irán guardando en su fila correspondiente estas medidas, y así cuando la matriz esté completa se observa una tabla de cada paciente que será de mucha utilidad al usuario, ya que puede comparar estos resultados con otros resultados anteriores y así poder determinar si ha habido algún cambio de tamaño con respecto a visitas o consultas que se hallan hecho con anterioridad.

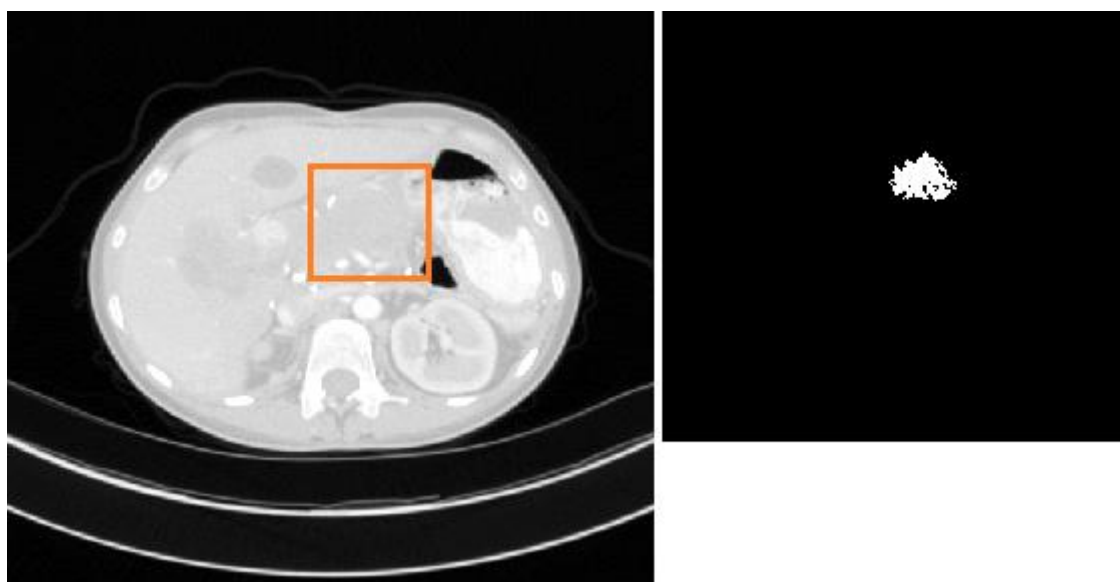
	1	2	3
1	1	10.6425	734.9332
2	2	14.2943	582.2984
3	3	1.8131	268.9600
4	4	3.5473	143.2212

Figura 14 Ejemplo tabla de valores de un paciente

## 6. Resultados experimentales

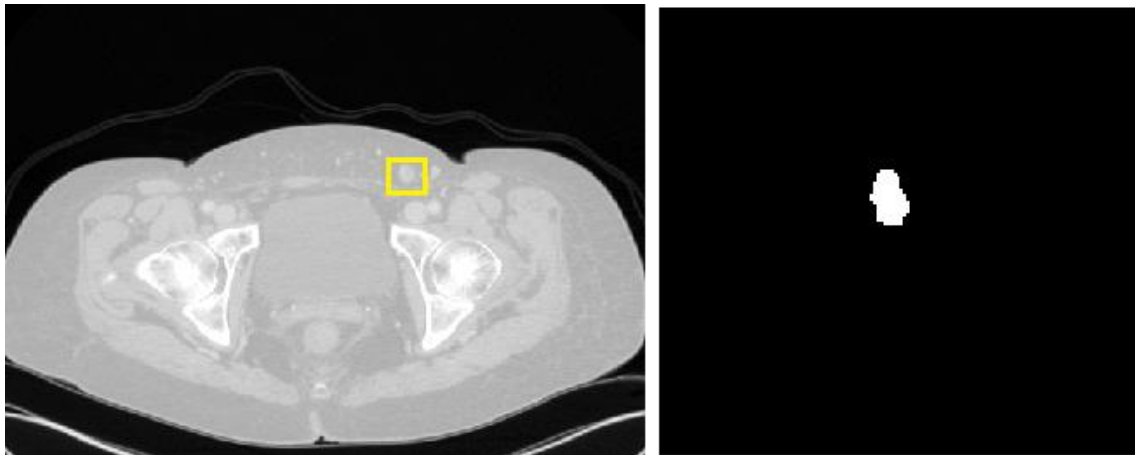
A continuación se muestran ejemplos de los resultados obtenidos a la hora de la ejecución de cada uno de los métodos, así como se exponen las ventajas y desventajas de usar uno u otro en los distintos pacientes.

Como se ha comentado durante todo el trabajo, el poco contraste con el que cuentan las imágenes de tomografía computarizada ha resultado un impedimento a la hora de una buena segmentación. Por lo que a medida que se han ido segmentando los distintos pacientes, se ha podido comprobar que con imágenes en las cuales la intensidad es más elevada y existe menos contraste entre los ganglios y su fondo, los resultados son peores [Figura 15].



*Figura 15 Ejemplo de segmentación de un ganglio en una imagen con poco contraste y una intensidad alta*

Sin embargo cuando se trata de imágenes con una intensidad más baja, y por lo tanto más contraste entre las figuras y su fondo, normalmente se logra una buena segmentación [Figura 16]. Por lo tanto cuanto mayor sea el contraste que existe en la imagen entre los ganglios y su fondo, mejor será la segmentación que se realiza y más exactas serán las medidas que se obtienen de dichas imágenes segmentadas.



*Figura 16 Ejemplo de un ganglio segmentado en una imagen con un mayor contraste.*

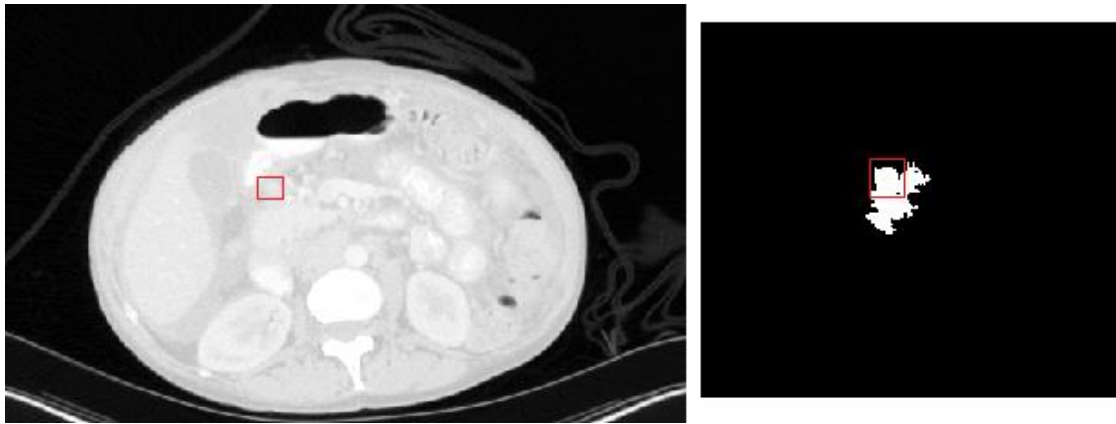
Existe una serie de ventajas e inconvenientes que se han ido visualizando a medida que se han ido llevando a cabo dichos métodos y una vez que se han obtenido los resultados para cada uno de ellos.

### 6.1 Segmentación por punto central

Cuando se precede a la ejecución de la segmentación por punto central, han ido surgiendo una serie de complicaciones que han dificultado el desarrollo de la esta herramienta.

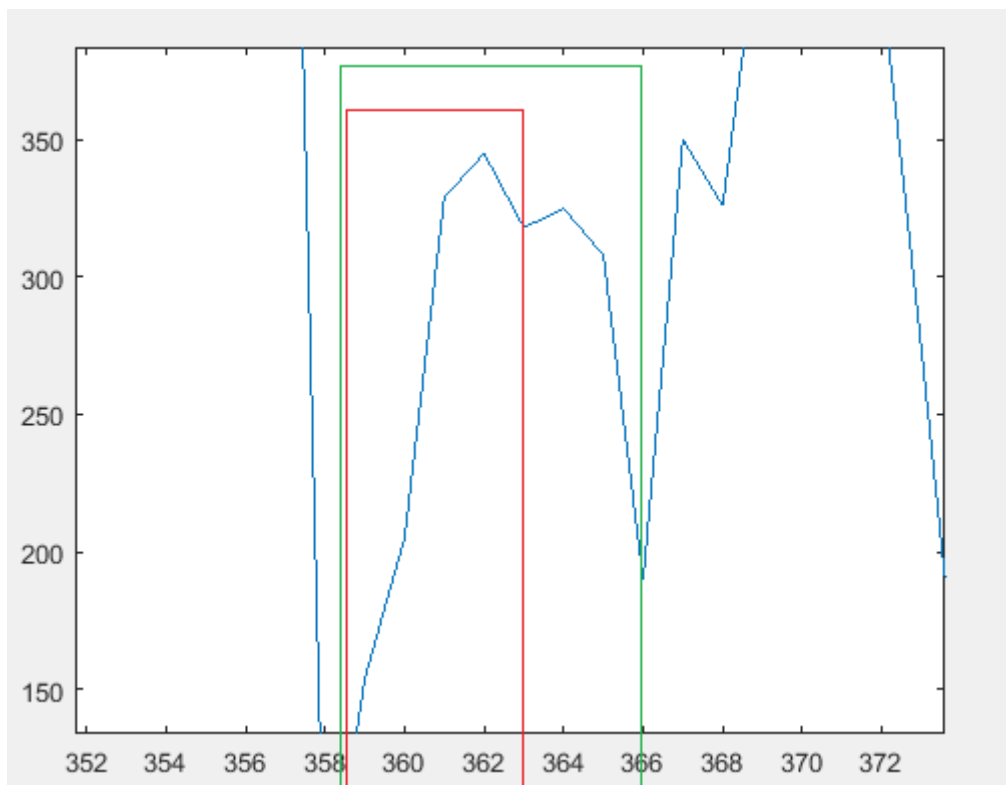
En primer lugar la mayor complicación encontrada ha sido a la hora de encontrar el umbral de corte para cada imagen, ya que es necesario para una buena segmentación definir el valor donde queremos que termine nuestra segmentación lo mejor posible para poder encontrar los bordes en cada uno de los ganglios.

Después de la búsqueda manual de muchos cortes de umbral para algunas imágenes escogidas al azar, con objeto de obtener el mayor número posible de datos para una buena interpolación, algunas ocasiones se puede observar que al realizar la dicha interpolación, el punto de corte obtenido no es el más acertado, por lo tanto la segmentación que se realiza es peor, o incluso en algunas ocasiones, aunque escasas, no es posible ese cálculo y por lo tanto tampoco es posible la segmentación.



*Figura 17 Ejemplo en el cuál no se obtiene un buen valor para la segmentación*

Otro inconveniente a la hora de llevar a cabo este método es la definición de los límites en los cortes que conforman el ganglio. Este punto también es un punto en contra de este método porque es complicado saber exactamente donde termina la segmentación de éste. Para ello como se ha explicado anteriormente se definió un valor, pero este valor es bastante bajo y cuando se segmenta un ganglio grande, con cualquier aumento de área en sus extremos, mayor que dicho valor, lo detecta como fin del ganglio [Figura 18].



*Figura 18 Ejemplo de gráfica del vector Ganglio*

Como se puede observar en la Figura 18, se detecta como punto mínimo un punto erróneo, ya que se puede ver como unos cortes más posteriores se encuentra el punto que verdaderamente delimita el fin de la segmentación del ganglio. Esto a veces ocurre con ganglios que tiene un gran tamaño y por consiguiente áreas elevadas, por lo tanto un pequeño aumento en su diámetro en alguno de los cortes siguientes lleva a cabo una superación del valor de corte que se ha utilizado como valor estándar y se detecta como un mínimo erróneo.

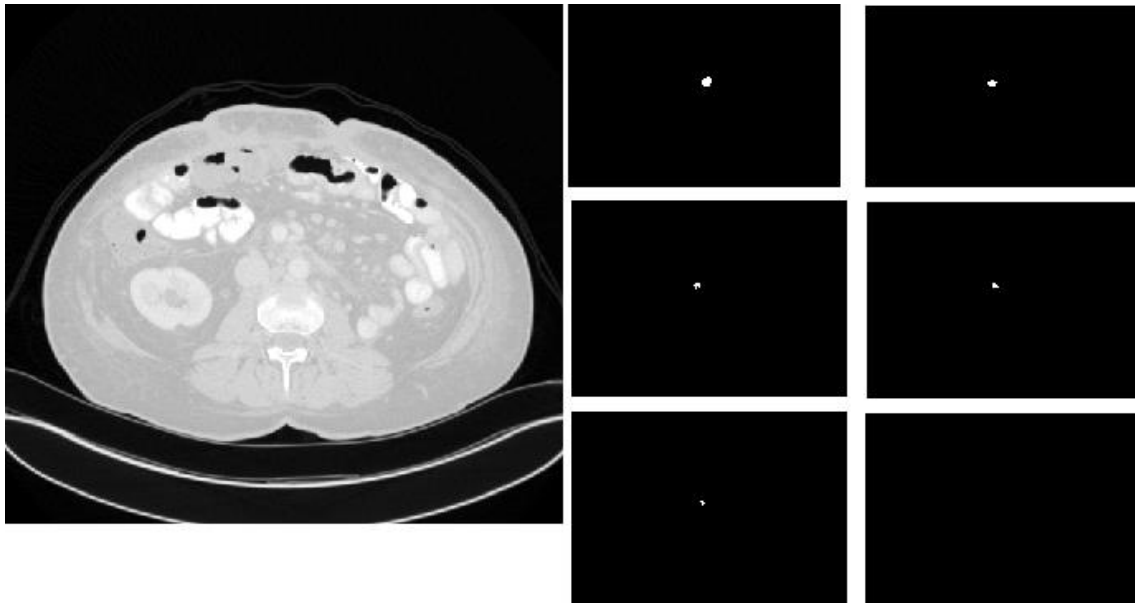
Aún así este método presenta ventajas con respecto al método de segmentación por región.

La mayor ventaja encontrada con respecto al otro método utilizado es, que la detección de los bordes del ganglio es mucho más precisa con este tipo de segmentación, por lo tanto a la hora de calcular las medidas, son mucho más fiables y exactas aquellas obtenidas por este método [Figura 20].

## 6.2 Segmentación por región

Cuando se lleva a cabo el método de segmentación se observa principalmente una ventaja con respecto al método de segmentación por punto central, y es que no es necesario el cálculo de los límites de los ganglios, ya que este tipo de segmentación va reduciendo la región donde segmentar hasta que se vuelve nula y se para la segmentación [Figura 19].

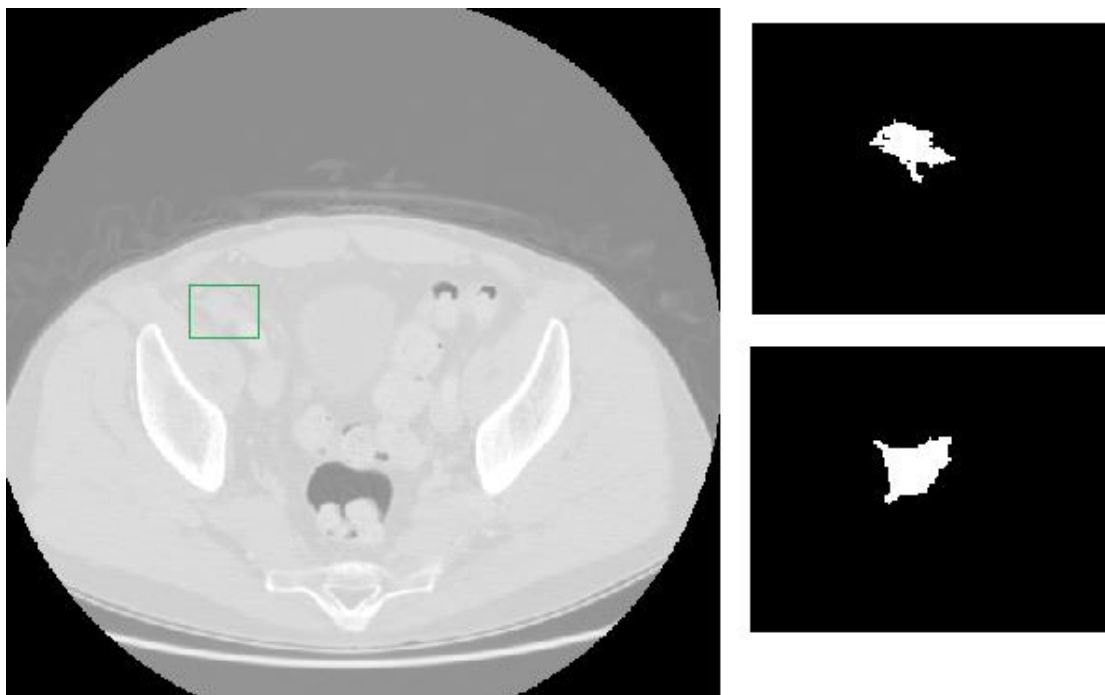
Este es un punto importante que inicialmente hizo creer que sería un buen método para poder realizar una correcta segmentación de los ganglios, ya que como se comenta en el apartado anterior la búsqueda de los límites es un punto crítico que da lugar a algunos fallos.



*Figura 19 Ejemplo de segmentación por región*

A medida que se fueron obteniendo resultados y segmentando imágenes de pacientes se observó, que en este método de segmentación se pueden encontrar peores resultados que con el método de segmentación por punto central.

En primer lugar la segmentación es mucho menos exacta que la anterior y los bordes son detectados de una forma menos específica, por lo tanto las medidas obtenidas son distintas y menos fiables, como ya se ha comentado en el punto anterior. Como se puede observar en la figura 20, la segmentación por punto central corresponde más a la realidad que a la segmentación por región.



*Figura 20 Comparación de ambas segmentaciones*

En este método además de la interpolación necesaria para el cálculo de del umbral de corte en el corte central, también es necesaria realizar otra interpolación que determina el número máximo de iteraciones para realizar la segmentación. Esta interpolación finalmente tiene unos resultados menos exactos que la del punto central, por lo que en bastantes ocasiones el valor obtenido no es el deseado.

Las anteriores desventajas nombradas, que la detección de bordes no sea muy exacta y que la interpolación tenga resultados mediocres, desencadenan otro inconveniente de mayor importancia, como es un mal cálculo de las medidas de los ganglios [Figura 21].

	1	2	3		1	2	3
1	1	3.4569	1.4712e+03	1	1	10.6425	734.9332
2	2	7.4733	2.1234e+03	2	2	14.2943	582.2984
3	3	2.5322	1.9056e+03	3	3	1.8131	268.9600
4	4	3.5473	14.7928	4	4	3.5473	143.2212
Segmentación por región				Segmentación por punto central			

*Figura 21 Comparación de tablas de medidas obtenidas por ambos métodos*

Como es de esperar si no obtenemos una imagen segmentada que se asemeje a la realidad, a la hora de calcular sus medidas tampoco serán muy fiables, por lo que este es un gran inconveniente en este método y lo hace que no sea una buena herramienta para esta tarea. Se puede visualizar en la figura 21 con claridad como los resultados para un mismo paciente son diferentes y la segmentación por punto central cuenta con resultados más fiables y más cercanos a la realidad.

### 6.3 Elección del método más adecuado

Atendiendo a las ventajas e inconvenientes anteriormente mostradas que se han obtenido tanto mientras se procedía a la elaboración del software, como una vez se han visualizado los resultados dados por ambos métodos, se ha decidido que los resultados que se obtienen con el método de segmentación por región no son los suficientemente fiables.

Por lo tanto para una segmentación que se acerque más a la realidad y en la cual se pueda desarrollar una buena herramienta que cumpla los objetivos que se persiguen en este proyecto, el método de segmentación por punto central es el método más adecuado.

Finalmente se muestran los resultados obtenidos con dicho método en todos los pacientes de la colección de datos elegida para este trabajo, así como una valoración de los falsos positivos a los que da lugar [Figura 22 y 23].

Es importante hacer énfasis en que no se dispone de la segmentación completa de cada ganglio por radiólogos o por herramientas diseñadas con anterioridad, por lo tanto la valoración de la sensibilidad de esta herramienta a falsos positivos es una estimación que se ha hecho observando, si los resultados obtenidos pueden corresponder a la realidad o si por el contrario son desproporcionados y por lo tanto se trata de un falso positivo.

Para llevar a cabo esta estimación se han establecido tres niveles en relación a lo cercano que se visualiza que están los resultados con la realidad:

- BIEN: Si visualmente son resultados totalmente acertados
- REGULAR: Si es posible que los resultados difieran un poco con la realidad, pero pueden ser tomados como posibles medidas reales.
- MAL: En este caso los resultados son desproporcionados y no es posible utilizarlos para ninguna tarea.



PACIENTE	RESULTADO	ABD 22	BIEN	ABD 44	BIEN	ABD 66	BIEN
ABD 1	BIEN	ABD 23	BIEN	ABD 45	BIEN	ABD 67	BIEN
ABD 2	BIEN	ABD 24	BIEN	ABD 46	REGULAR	ABD 68	BIEN
ABD 3	MAL	ABD 25	BIEN	ABD 47	BIEN	ABD 69	BIEN
ABD 4	REGULAR	ABD 26	BIEN	ABD 48	MAL	ABD 70	MAL
ABD 5	MAL	ABD 27	MAL	ABD 49	BIEN	ABD 71	BIEN
ABD 6	REGULAR	ABD 28	BIEN	ABD 50	REGULAR	ABD 72	REGULAR
ABD 7	BIEN	ABD 29	REGULAR	ABD 51	BIEN	ABD 73	BIEN
ABD 8	BIEN	ABD 30	REGULAR	ABD 52	BIEN	ABD 74	MAL
ABD 9	REGULAR	ABD 31	BIEN	ABD 53	BIEN	ABD 75	BIEN
ABD 10	REGULAR	ABD 32	BIEN	ABD 54	BIEN	ABD 76	BIEN
ABD 11	REGULAR	ABD 33	BIEN	ABD 55	BIEN	ABD 77	BIEN
ABD 12	BIEN	ABD 34	MAL	ABD 56	BIEN	ABD 78	BIEN
ABD 13	BIEN	ABD 35	BIEN	ABD 57	REGULAR	ABD 79	MAL
ABD 14	REGULAR	ABD 36	BIEN	ABD 58	MAL	ABD 80	REGULAR
ABD 15	BIEN	ABD 37	BIEN	ABD 59	MAL	ABD 81	BIEN
ABD 16	MAL	ABD 38	BIEN	ABD 60	BIEN	ABD 82	BIEN
ABD 17	BIEN	ABD 39	REGULAR	ABD 61	BIEN	ABD 83	REGULAR
ABD 18	BIEN	ABD 40	BIEN	ABD 62	BIEN	ABD 84	MAL
ABD 19	REGULAR	ABD 41	REGULAR	ABD 63	REGULAR	ABD 85	BIEN
ABD 20	BIEN	ABD 42	BIEN	ABD 64	REGULAR	ABD 86	BIEN
ABD 21	REGULAR	ABD 43	MAL	ABD 65	REGULAR		

Figura 22 Resultados obtenidos en los pacientes con ganglios en la zona abdominal

PACIENTE	RESULTADO	MED 23	BIEN	MED 46	MAL	MED 69	MAL
MED 1	BIEN	MED 24	BIEN	MED 47	BIEN	MED 70	BIEN
MED 2	BIEN	MED 25	BIEN	MED 48	BIEN	MED 71	BIEN
MED 3	BIEN	MED 26	BIEN	MED 49	BIEN	MED 72	BIEN
MED 4	BIEN	MED 27	REGULAR	MED 50	BIEN	MED 73	REGULAR
MED 5	BIEN	MED 28	BIEN	MED 51	REGULAR	MED 74	REGULAR
MED 6	REGULAR	MED 29	BIEN	MED 52	BIEN	MED 75	BIEN
MED 7	BIEN	MED 30	BIEN	MED 53	BIEN	MED 76	BIEN
MED 8	BIEN	MED 31	MAL	MED 54	BIEN	MED 77	BIEN
MED 9	BIEN	MED 32	BIEN	MED 55	BIEN	MED 78	BIEN
MED 10	BIEN	MED 33	BIEN	MED 56	BIEN	MED 79	BIEN
MED 11	BIEN	MED 34	BIEN	MED 57	BIEN	MED 80	REGULAR
MED 12	MAL	MED 35	REGULAR	MED 58	REGULAR	MED 81	BIEN
MED 13	BIEN	MED 36	BIEN	MED 59	REGULAR	MED 82	BIEN
MED 14	BIEN	MED 37	BIEN	MED 60	MAL	MED 83	MAL
MED 15	BIEN	MED 38	BIEN	MED 61	BIEN	MED 84	MAL
MED 16	BIEN	MED 39	BIEN	MED 62	BIEN	MED 85	BIEN
MED 17	MAL	MED 40	BIEN	MED 63	BIEN	MED 86	BIEN
MED 18	MAL	MED 41	BIEN	MED 64	MAL	MED 87	BIEN
MED 19	REGULAR	MED 42	REGULAR	MED 65	BIEN	MED 88	BIEN
MED 20	REGULAR	MED 43	BIEN	MED 66	BIEN	MED 89	BIEN
MED 21	BIEN	MED 44	MAL	MED 67	BIEN	MED 90	BIEN
MED 22	REGULAR	MED 45	BIEN	MED 68	BIEN		

Figura 23 Resultados obtenidos en los pacientes con ganglios en la zona del mediastino

Como se puede observar en las Figuras 22 y 23 se han obtenido los resultados finales con cada uno de los pacientes de la colección de datos con la que se ha realizado este trabajo. Estos resultados vienen dados finalmente con el método de segmentación por punto central, ya que es el método que daba unos mejores resultados en cuanto a una buena segmentación de los ganglios.

Con estos resultados se puede concluir que la herramienta que se ha creado tiene un índice de aciertos de un 0.73% en pacientes con ganglios en la zona abdominal y un 0.82% de aciertos en pacientes con ganglios en la zona del mediastino.

Otro dato a tener en cuenta es el porcentaje de falsos positivos que han obtenido a la hora de evaluar los resultados obtenidos con esta base de datos de imágenes. Como resultado final se tiene un porcentaje de falsos positivos de 0.23%.

Finalmente se puede decir que el software que se ha elaborado con el objetivo de medir un número de ganglios en un paciente, para así poder llevar a cabo una evaluación y seguimiento de su enfermedad tiene una precisión de 0.775%.

## 7. Conclusiones y líneas futuras

Por último se concluye el documento con una síntesis del desarrollo seguido para el desarrollo de este software así como las conclusiones que se han ido obteniendo a lo largo del mismo, añadiendo finalmente unas posibles líneas futuras como mejora o ampliación del mismo

### 7.1 Conclusión

Hace algunos años los médicos eran más reacios a utilizar cualquier programa informático que supusiera para ellos una dificultad más añadida a su trabajo diario, pero hoy en día y cada vez más hay mucha demanda de agilizar el trabajo clínico diario, ya que ocupa mucho tiempo y congestiona la consulta continuamente.

La necesidad mostrada por los radiólogos a la hora de tener una herramienta que permita hacer tanto una detección automática de los ganglios linfáticos como una posterior evaluación de sus medidas, ha provocado que el desarrollo de una herramienta que consiga este fin sea un objetivo muy perseguido en los últimos tiempos, y por lo tanto se haya optado por la realización de este trabajo como proyecto final.

El desarrollo de este trabajo se he llevado a cabo mediante el programa MATLAB, el cual ha resultado ser adecuado para una buena elaboración de los objetivos que se planteaban en un principio y consiguiendo una herramienta que es de fácil uso para el facultativo, ya que es algo que responde a bastante demandas, capaz de satisfacer al problema que se propone en el inicio de este trabajo con una precisión de 0.775 %, así como un porcentaje de falsos positivos del 0.23%.

Para ello se realizó dos propuestas de métodos de segmentación de ganglios en distintos pacientes, superando los distintos problemas que se han planteado a la hora de definir algunos valores para obtener unas medidas que se correspondan lo más posible con la realidad.

Una vez desarrollados ambos métodos, se llevó a cabo una visualización de los resultados que se obtenían en cada uno de los métodos y finalmente se descartó el uso de uno de ellos por su ineficacia, por lo cual se optó por la implementación de un método de segmentación por punto central en el programa que se presenta.

Cabe destacar que durante la realización de este trabajo han surgido algunos problemas con la colección de imágenes y la base de datos ya que en

un principio se creía que podía surgir algún problema con el orden de las imágenes de TC, pero que finalmente fueron solucionados sin ninguna mayor dificultad.

También es importante resaltar que mediante la elaboración del proyecto surgió la posibilidad de incluir como medida el volumen del ganglio, ya que es una novedad en este tipo de trabajo y con esta base de datos, algo que finalmente resultó positivo a la hora de obtener resultados novedosos y diferentes que podrían aportar nuevas ideas futuras para llevar a cabo diferentes investigaciones.

En cuanto al aspecto personal, la realización de este trabajo me ha servido para profundizar aún más en los conocimientos de imágenes médicas que he conseguido a lo largo de la carrera, logrando aumentar mi interés en este campo y sirviéndome para saber qué camino seguir en una futura ampliación de mi aprendizaje.

## 7.2 Líneas futuras

A pesar de haber desarrollado una herramienta que cumple con los objetivos fijados en un principio, es cierto que siempre pueden añadirse múltiples mejoras que podrían hacer este software más completo y eficaz.

Como línea futura sería interesante la inclusión de un método de detección automática dentro de este software, para así hacer esta herramienta lo más automatizada posible y de esta forma no sería necesario contar con los puntos centrales de los ganglios sino que la herramienta detectaría automáticamente todos y cada uno de los ganglios de cada paciente en primer lugar. Se podría incluir algunos de los métodos que ya hay de anteriores estudios realizados y realizar uno exclusivo para este programa.

También sería interesante la eliminación del mayor número de falsos positivos como fuera posible y hacer esta herramienta poco sensible a ellos. Una forma de hacerlo podría ser por ejemplo creando un método de segmentación diferente dependiendo del nivel de contraste y de intensidad con el cuál cuente cada paciente y cada imagen.

## 8. Referencias bibliográficas

1. <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/CT+Lymph+Nodes>
2. L. y J. Dornheim Dornheim(2008). Automatische Detektion von Lymphknoten en CT-Datensätzen des Halses. En la BVM.
3. M. Feuerstein, D. Deguchi, T. Kitasaka, S. Iwano, K. Imaizumi, Y. Hasegawa, Y. Suenaga, y K. Mori (2009). Detección automática de los ganglios linfáticos del mediastino en TC de tórax. En SPIE, tomo 7260, pág. 30.
4. Holger R. Roth, Le Lu, Ari Seff, Kevin M. Cherry, Joanne Hoffman, Shijun Wang, Jiamin Liu, Evrim Turkbey, and Ronald M. Summers (2014). A New 2.5D Representation for Lymph Node Detection using Random Sets of Deep Convolutional Neural Network Observations.
5. T. Kitasaka, Y. Tsujimura, Y. Nakamura, K. Mori, Y. Suenaga, M. Ito, y S. Nawano (2007). Extracción automatizada de ganglios linfáticos de la TAC abdominal en 3-D 3-d imágenes usando la mínima diferencia direccional filtro. LNCS, 4792:336.
6. Barbu, A. M. Suehling, X. Xu, D. Liu, S. K. Zhou, y D. Comaniciu (2012). Detección automática y segmentación de los ganglios linfáticos a partir de los datos de TAC. Medical Imaging, IEEE Transactions on 31 (2), 240-250. 2, 6
7. Feulner, J. S. Kevin Zhou, M. Hammon, J. D. Comaniciu Hornegger y (2013). Detección de ganglios linfáticos y segmentación en TC de tórax utilizando datos de aprendizaje discriminativo y espacial de antes. MedIA 17 (2), 254 270. 2, 8
8. Feuerstein, M. D., T. Kitasaka Deguchi, S. Iwano, K. Imaizumi, Y. Hasegawa, Y. Suenaga, y K. Mori (2009). Detección automática de los ganglios linfáticos del mediastino en TC de tórax. En SPIE Medical Imaging, pp. 72600V-72600V. Sociedad Internacional de óptica y fotónica. 2
9. Feuerstein, M. B., T. Kitasaka Glocker, Y. Nakamura, S. Iwano, y K. Mori (2012). Atlas mediastinal creación del 3-D, la tomografía computarizada de tórax: imágenes de aplicación a la detección automática y la estación mapeo de ganglios linfáticos. 16 Medios de Comunicación (1)
10. Prason, A. K. Petersen, C. Igel, F. Lauze, E. Dam, y M. Nielsen (2013). Función de aprendizaje profundo para el cartílago de la rodilla la segmentación mediante una red neuronal convolutional triplanar. En K. Mori, I. Sakuma, Y.

Sato, C. Barillot y N. Navab (Eds.), MICCAI, volumen 8150 de LNCS, pp. 246-253. Springer. 3, 4

11. Turaga, S. C., J. F. Murray, V. Jain, F. Roth, M. Helmstaedter, K. Briggman, W. Denk, y H. S. Seung (2010). Convolutional redes pueden aprender a generar graficos de afinidad para la segmentación de imágenes. *Computación Neuronal* 22 (2), 511-538. 3, 4, 5

12. B. Leonardis Leibe, A. y B. Schiele (2008). Detección de objetos sólidos con intercalado de segmentación y categorización. *IJCV*, 77:259-28